

Analysis of Genetic Diversity and Relationships of Korean Native Goat Populations by Microsatellite Markers

Sangwon Suh^{1,2}, Mijeong Byun¹, Young-Sin Kim¹, Myung-Jick Kim¹, Seong-Bok Choi¹, Yeoung-Gyu Ko¹, Dong-Hun Kim¹, Hyun-Tae Lim² and Jae-Hwan Kim^{1*}

¹Animal Genetic Resources Station, National Institute of Animal Science, RDA, Namwon 590-832, Korea

²Department of Animal Science, College of Agriculture and Life Sciences, Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Korea

Received September 5, 2012 / Revised October 31, 2012 / Accepted November 2, 2012

The level of genetic variation and relationships in three native Korean goat populations (Dangjin, Jangsu, and Tongyeong) as well as the populations of a farm were analyzed, based on 30 microsatellite markers. A total of 277 distinct alleles were observed across the four goat populations, and 102 (36.8%) of these alleles were unique to only one population. The mean observed heterozygosity and polymorphism information content were calculated as 0.461~0.651 and 0.462~0.679, respectively. In the NJ tree constructed based on Nei's D_A genetic distance, the four populations represented four distinct groups. However, the genetic distances between each Korean native goat population and the farm population were two times those among the three native Korean breeds. The genetic structure within the three Korean native goat populations was also investigated. Cluster analysis, using the STRUCTURE software, suggested three clusters. The molecular information of genetic diversity and relationships in this study will be useful for the evaluation, conservation, and utilization of native Korean goat breeds as genetic resources.

Key words : Korean native goat, microsatellite, genetic diversity, relationships, population structure

서 론

고고학적 기록에 의하면 약 10,000년 전에 이란의 서부 고지대에서 야생염소(*Capra aegagrus*)가 가축화되어 현재의 염소(*Capra hircus*)가 되었을 것으로 추정하고 있으며, 약 5,000년 전 메소포타미아에서 염소를 가축화하여 식용으로 이용하였다는 기록이 있다[27-28]. 흑모색의 특징을 보이는 한국재래염소의 기원은 아직 불분명하지만, mtDNA haplotype 분석을 통해 한국재래염소가 중국 및 베트남 염소와 가까운 유연관계를 나타낸다고 보고한 Kim 등[17]의 결과는 한국재래염소가 동아시아를 통해 한반도로 유입되었을 가능성을 시사하는 것이다.

증보산림경제와 본초강목에는 흑염소가 허약을 낮게 하고 보양 강장, 회춘하는 약이며 마음을 편하게 한다고 소개되어 있다[27]. 흑염소는 과거 주로 약용으로 사용되어왔으나 오늘날 경제사회의 발전으로 소비자들의 건강 보조식품 및 웰빙식품으로 점차 인기가 높아짐에 따라 식육용으로도 많이 소비되고 있으며 사육두수 또한 점차 증가 하고 있다[16].

그러나 재래염소의 낮은 생산성으로 인하여 산육능력이 우수한 외래 품종과의 무분별한 교잡이 이루어졌으며, 그 결과로 순수 재래염소는 대부분 사라지고 교잡종이 많이 사육되고

있는 실정이다. 일부 산간벽지와 도서지역을 제외하곤 대부분 멸실 되었는데 1992년 생물다양성협약(CBD, Convention on Biological Diversity) 이후 국립축산과학원에서는 고유 품종 확보의 중요성을 인지하고, 과거 기록과 외모특성을 근거로 1994년에 전국적인 수집을 통해 순수 재래염소라고 판단되는 장수, 당진, 통영 등 3개 집단을 수집하여 보존하고 있다. 2007년 동물유전자원 멸종방지를 위한 인터라켄 선언(Interlaken declaration)의 세계행동계획(GPA, global plan of action) 발표 이후 국제적으로 고유 품종 확보의 중요성이 강조되면서 유전적 다양성, 타 품종과의 유연관계 등 유전적 특성 분석에 관한 연구가 다양하게 진행되고 있다[4-5,12]. 그러나 한국재래염소를 대상으로 한 유전적 다양성 평가에 관한 연구는 전무한 실정이다.

Microsatellite (MS) 마커는 유전적 다양성이 높고 동물 게놈(genome) 전체에 걸쳐 분포한다는 특성을 가지고 있어 가축의 집단 내 또는 집단간의 유전적 다양성, 유연관계 등의 평가에 많이 활용되고 있다[24-25]. Takezaki와 Nei [26]는 다양성이 낮은 집단 또는 품종의 계통유전학적 연관성을 평가할 경우 적어도 30개 이상의 MS 마커를 적용한 대립유전자형 분석 결과를 이용하도록 제안하였으며, FAO [9]에서는 이와 같은 연구에 있어서 집단 별로 25개체 이상 사용할 것을 권고하고 있다.

농촌진흥청 국립축산과학원은 1990년대 초반에 도서지역을 대상으로 유전자원의 발굴 및 수집을 실시하였으며, 이 결

*Corresponding author

Tel : +82-63-620-3522, Fax : +82-63-620-3590
E-mail : jkim3892@korea.kr

과로 장수, 당진, 통영 등 3개 지역에서 한국재래염소 집단을 수집하였다. 수집 당시 각 집단은 체형, 모색, 털 길이 등에 의해서 어느 정도 집단특성을 가지고 있었으나, 다양성 보존 차원에서 각 특성에 대한 선발과정 없이 유지되어 정확한 차이를 보이지는 않는다.

따라서 본 연구는 한국재래염소 3개 집단을 대상으로 30개 MS 마커의 유전자형을 분석하고 이를 토대로 유전적 다양성 파악 및 집단의 유전적 특성을 구명함으로써 외래품종과의 차별화와 함께 유전자원으로서 한국재래염소의 보존 및 활용에 필요한 과학적인 기초 자료를 제시하고자 한다.

재료 및 방법

공시재료 및 MS 마커

국립축산과학원 가축유전자원시험장에서 보존 및 육성 중인 한국재래염소 3개 집단 중 2011년에 출생한 당진 집단 46두, 장수 집단 29두, 통영 집단 34두 등 109두의 혈액을 시료로 공시하였다. 또한 한국재래염소와의 유전적 특성 비교를 위하여 흑염소 사육농가에서 수집한 1개 집단 44두를 함께 공시하였다. 본 실험에 사용된 MS 마커는 FAO [10]에서 권고한 염소 MS 마커 14종(BM6444, CSR0247, DRBP1, ETH10, ILSTS029, INRA023, INRA063, McM527, OarFCB020, OarFCB048, SRCRSP005, SRCRSP023, SRCRSP008, TGLA53)과 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)에서 수집 및 선정된 16종 (BM1258, BM1329, BM1818, BOBT24A, ILSTS008, ILSTS019, ILSTS087, INRA005, INRA006, INRA049, INRA172, INRA185, OarFCB193, RM006, SRCRSP001, SRCRSP024) 등 총 30종을 이용하였다.

PCR 및 유전자형 결정

혈액으로부터의 DNA 추출은 Boom 등[1]의 방식을 따랐으며, magnetic bead 기반의 DNA추출 KIT인 MagExtractor (TOYOBO, Japan)를 사용하였다. 각각의 MS 마커는 증폭 조건, 증폭산물 크기, 형광표지를 고려하여 2~4개씩 multiplex 조합을 만든 후 Accupower-Dye PCR PreMix (Bioneer, Korea)를 이용하여 증폭하였다. Multiplex-PCR은 GeneAmp PCR system 9700 (Applied Biosystems, USA)을 사용하여 수행하였으며, 94°C에서 5분 동안 pre-denaturation을 실시하고, 94°C에서 60초 denaturation, 55~60°C에서 30초간 annealing, 72°C에서 1분간 extension을 35회 반복 후 72°C에서 15분 동안 final extension을 실시하였다. PCR 산물은 Hi-Di Formamide와 GeneScan 500 Liz size standard (Applied Biosystems, USA)를 혼합하여 95°C에서 10분간 denaturation 후 ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA)를 이용하였다. MS 마커에 대한 대립유전자의 크기 결정은 GeneMapper (version 4.0) software (Applied Biosystems,

USA)를 이용하였고, 그 결과는 Microsoft Excel (Microsoft, ver 2007, USA)을 이용하여 개체별로 취합하였다.

통계분석

MS 좌위의 유전적 다형성은 GeneAEx 6.4 program [22]을 이용하였으며, 이 때 Nei [19]의 방법을 토대로 이형접합도의 관측치(H_o)와 이론치(H_e)를 추정하였다. 각 집단에 대한 좌위별 다형정보량(Polymorphic Information Content; PIC)은 MS ToolKit [21]를 이용하여 Bostein 등[2]의 방법으로 산출하였으며, CONVERT package [13]를 이용하여 MS 좌위-특이 대립유전자의 수를 확인하였다. 집단간 유연관계는 DISPAN software [20]를 이용하여 Nei 등[18]의 방법에 따라 D_A 유전 거리를 산출하여 확인하였다. 개체별 유연관계는 MS ToolKit의 Bowcock 등[3]의 방법으로 산출된 개체별 유전적 거리를 토대로 PHYLIP program [11]을 이용하여 Neighbor-joining (NJ) tree를 작성하였다. 공시된 한국재래염소 3개 집단에 대한 유전적 균일성은 STRUCTURE software [8,23]를 이용하여 분석하였다. 먼저 실제 집단수(K 값)를 추정하기 위한 Bayesian 통계분석을 수행하여 각각의 K ($K=2\sim 5$) 값에 대한 평균 추정치 $Pr(X|K)$ 와 표준편차를 계산하고(burn-in 50,000회, MCMC 반복수 100,000회), 이 결과를 Evanno 등[7]의 방법이 적용된 STRUCTURE HARVESTER program [6]을 이용하여 ΔK 값을 계산하고 최적의 K 값을 결정하여 각각의 클러스터에 대한 각 집단의 실제 분포를 추정하였다.

결과 및 고찰

MS 표지의 대립유전자 구성 및 유전적 변이성

한국재래염소 3개 집단과 농가 염소 1개 집단을 대상으로 30개의 MS 마커로 분석한 결과, 각 마커에서 나타나는 대립유전자의 수를 Table 1에 제시하였다. 전체 277개의 대립유전자가 확인되었다. 그 중 102개(36.8%)가 집단-특이 대립유전자로, 한국재래염소 3개 집단은 10개 이하로 나타난 반면 농가 집단은 81개(79.4%)가 확인되었다. 4개 MS 마커(BM6444, DRBP1, INRA023, SRCRSP024)에서는 7개 이상의 특이 대립유전자가 관찰되었고, INRA063에서는 집단-특이 대립유전자가 관찰되지 않았다. 에티오피아 염소[14]와 알바니아 염소 [15]의 결과와 비교를 해보면 집단-특이 대립유전자의 수는 분석된 마커에 따라서 상이하게 나타났다. 이 결과로 분석에 공시된 품종에 따라 특정 마커의 대립유전자의 특성이 다양하게 나타남을 확인할 수 있었다.

Table 2는 분석된 MS 마커의 기대(H_e) 및 관측이형접합도(H_o)와 다형정보량(PIC)의 산출 결과이다. 당진집단의 SRCRSP024 마커는 1개 대립유전자만이 관찰되어 H_e 및 H_o 와 PIC 산출이 불가능하였다. H_e 와 H_o 의 평균 값은 당진집단이 0.511과 0.461, 장수집단이 0.538과 0.509, 통영집단이 0.518과

Table 1. Number of alleles (private alleles) for 4 goat populations

Loci	Number of alleles (private alleles)				Total alleles for individual site
	Dangjin	Jangsu	Tongyeong	Farm	
BM1258	6(1)	6(0)	6(0)	9(2)	10(3)
BM1329	5(0)	5(0)	5(0)	8(3)	9(3)
BM1818	3(0)	2(0)	3(0)	6(3)	7(3)
BM6444	10(2)	9(0)	12(2)	20(11)	26(15)
BOBT24A	6(0)	5(0)	6(0)	7(1)	8(1)
CSRD0247	6(0)	5(0)	3(0)	7(1)	7(1)
DRBP1	5(1)	2(0)	3(1)	9(5)	11(7)
ETH10	2(0)	2(0)	2(0)	3(1)	3(1)
ILSTS008	4(0)	5(0)	4(0)	5(1)	7(1)
ILSTS019	6(2)	4(0)	4(0)	5(1)	7(3)
ILSTS029	3(0)	5(0)	3(0)	11(4)	11(4)
ILSTS087	4(0)	6(0)	6(0)	10(3)	10(3)
INRA005	4(0)	5(0)	3(0)	4(1)	6(1)
INRA006	5(1)	5(0)	8(1)	9(2)	11(4)
INRA023	4(0)	4(0)	5(3)	11(6)	11(9)
INRA049	5(1)	3(0)	4(0)	4(1)	6(2)
INRA063	5(0)	4(0)	4(0)	5(0)	5(0)
INRA172	5(0)	5(0)	3(0)	6(1)	6(1)
INRA185	2(0)	5(1)	4(0)	4(1)	6(2)
MCM0527	4(0)	4(0)	4(0)	7(3)	7(3)
OarFCB020	3(0)	4(0)	4(0)	7(3)	7(3)
OarFCB048	5(0)	5(0)	6(0)	7(2)	8(2)
OarFCB193	7(0)	9(1)	8(1)	7(1)	11(3)
RM006	5(0)	5(0)	6(0)	12(4)	12(4)
SRCRSP005	5(0)	7(0)	5(0)	11(4)	11(4)
SRCRSP008	6(1)	6(0)	7(0)	9(1)	11(2)
SRCRSP023	8(1)	6(0)	6(0)	11(2)	12(3)
SRCRSP024	1(0)	2(0)	3(0)	11(8)	11(8)
SRCRSP001	6(0)	5(0)	5(1)	5(4)	11(5)
TGLA53	6(0)	5(0)	4(0)	8(1)	8(1)
Total	146(10)	145(2)	146(9)	244(81)	277(102)
Mean±S.D	4.87±1.78	4.83±1.67	4.87±2.01	8.13±3.44	9.23±3.93

0.498로 집단간 유사한 결과를 보인 반면 농가 집단인 경우 0.720과 0.651로 상대적으로 높게 나타났다. 또한 모든 집단에서 H_E 가 H_0 보다 근소하나마 낮게 나타났다. 분석에 사용된 일부 MS마커가 다르지만 기존에 보고[15-16,24]된 결과에서도 H_E 가 H_0 보다 낮은 결과를 확인 할 수 있었다. H_E 는 특정 집단이 유전적 평형상태에서 기대되는 이형접합도로서, 분석에 이용된 각 집단의 교배 및 후대 생산 시에 한정된 종축을 이용한 계획교배가 원인으로 추정된다.

30개 MS 마커에 대한 평균 PIC는 한국재래염소 집단은 0.462~0.483의 수치를 보인 반면 농가 집단은 상대적으로 높은 0.679를 보였다. 장수집단의 SRCRSP024 마커에서 0.064로 가장 낮게 나타난 반면 농가집단의 INRA023 마커에서 0.864로 가장 높은 것으로 확인되었다. Botstein 등[2]은 PIC가 0.25 이상인 경우 유전적 분석을 위한 적절한 정보력을 갖는다고 보고하였다. 적어도 한 집단에서 0.25 이하의 PIC를 보인 마커는

총 7개(BM1818, ETH10, ILSTS029, INRA005, INRA185, OarFCB020, SRCRSP024)였으며, 이 7개 마커를 제외한 23개의 마커는 한국재래염소의 분자유전학적 분석에 활용이 가능할 것으로 판단된다.

재래염소의 유전거리 및 유연관계

한국재래염소 3개 집단 및 농가집단 간의 유연관계를 구명하기 위하여 30개 MS 마커의 대립유전자의 출현빈도를 근거로 집단간 D_A 유전거리를 산출하고(Table 3), Neighbor-joining (NJ) tree를 작성하였다(Fig. 1). 재래염소 3개 집단 간에는 가까운 유전거리(0.080~0.114)를 보인 반면 재래염소 각 집단과 농가 집단 간에는 2배 이상의 먼 유전거리(0.213~0.233)를 나타내었다. NJ tree 상에서 4개 집단 전체 153두 중 23두(당진 6두, 장수 7두, 통영 9두, 농가 1두)가 타 집단 그룹 내부에 존재하였지만, 각 집단별로 독립적인 그룹을 형성하여 4개 집

Table 2. Expected and observed heterozygosity, polymorphism information content (PIC) for 4 goat populations

Loci	Dangjin			Jangsu			Tongyeong			Farm		
	H _E	H _O	PIC	H _E	H _O	PIC	H _E	H _O	PIC	H _E	H _O	PIC
BM1258	0.692	0.442	0.640	0.701	0.538	0.645	0.652	0.750	0.597	0.855	0.791	0.827
BM1329	0.357	0.425	0.319	0.664	0.654	0.597	0.672	0.464	0.597	0.758	0.837	0.712
BM1818	0.253	0.233	0.235	0.216	0.240	0.189	0.108	0.111	0.103	0.536	0.535	0.501
BM6444	0.627	0.293	0.576	0.876	0.667	0.835	0.868	0.586	0.838	0.798	0.636	0.776
BOBT24A	0.470	0.500	0.427	0.593	0.429	0.521	0.505	0.606	0.462	0.836	0.818	0.804
CSRD0247	0.626	0.452	0.548	0.661	0.462	0.601	0.433	0.344	0.367	0.802	0.558	0.761
DRBP1	0.589	0.171	0.527	0.414	0.130	0.323	0.415	0.471	0.354	0.786	0.250	0.747
ETH10	0.123	0.130	0.114	0.082	0.083	0.077	0.116	0.121	0.107	0.411	0.432	0.370
ILSTS008	0.504	0.565	0.455	0.282	0.310	0.264	0.557	0.529	0.506	0.611	0.524	0.556
ILSTS019	0.564	0.644	0.479	0.596	0.643	0.505	0.573	0.647	0.493	0.714	0.591	0.662
ILSTS029	0.507	0.696	0.396	0.134	0.138	0.130	0.165	0.176	0.154	0.623	0.591	0.599
ILSTS087	0.569	0.545	0.515	0.691	0.792	0.647	0.593	0.606	0.497	0.849	0.818	0.820
INRA005	0.245	0.222	0.232	0.468	0.321	0.405	0.405	0.375	0.354	0.455	0.432	0.383
INRA006	0.593	0.578	0.538	0.577	0.607	0.472	0.531	0.606	0.493	0.840	0.750	0.810
INRA023	0.383	0.386	0.351	0.629	0.786	0.552	0.580	0.621	0.534	0.886	0.909	0.864
INRA049	0.590	0.163	0.522	0.527	0.357	0.416	0.467	0.182	0.389	0.563	0.250	0.463
INRA063	0.642	0.727	0.565	0.679	0.692	0.608	0.575	0.586	0.513	0.743	0.762	0.687
INRA172	0.780	0.870	0.734	0.622	0.552	0.567	0.550	0.559	0.480	0.775	0.762	0.728
INRA185	0.260	0.302	0.224	0.490	0.607	0.447	0.369	0.452	0.317	0.302	0.205	0.281
MCM0527	0.622	0.634	0.538	0.460	0.500	0.395	0.704	0.710	0.634	0.671	0.614	0.610
OarFCB020	0.183	0.146	0.172	0.249	0.269	0.234	0.406	0.387	0.370	0.650	0.705	0.585
OarFCB048	0.787	0.844	0.742	0.731	0.714	0.664	0.761	0.824	0.709	0.833	0.932	0.799
OarFCB193	0.723	0.561	0.681	0.782	0.591	0.733	0.593	0.323	0.530	0.809	0.750	0.771
RM006	0.343	0.348	0.321	0.724	0.724	0.676	0.696	0.613	0.630	0.884	0.907	0.861
SRCRSP005	0.672	0.750	0.609	0.537	0.583	0.499	0.301	0.333	0.284	0.725	0.705	0.694
SRCRSP008	0.661	0.571	0.595	0.669	0.692	0.598	0.831	0.900	0.790	0.815	0.750	0.778
SRCRSP023	0.700	0.761	0.657	0.751	0.786	0.695	0.779	0.806	0.730	0.813	0.773	0.784
SRCRSP024	-	-	-	0.068	0.069	0.064	0.167	0.147	0.158	0.686	0.500	0.656
SRCRSP001	0.649	0.711	0.576	0.575	0.552	0.492	0.590	0.559	0.540	0.817	0.705	0.783
TGLA53	0.608	0.152	0.564	0.706	0.769	0.639	0.567	0.545	0.477	0.743	0.727	0.695
Mean	0.511	0.461	0.462	0.538	0.509	0.483	0.518	0.498	0.467	0.720	0.651	0.679

Table 3. Nei's D_A genetic distance matrix estimated from the frequencies of 30 microsatellite loci among the 3 Korean native goat populations

	Dangjin	Jangsu	Tongyeong	Farm
Dangjin	-			
Jangsu	0.099	-		
Tongyeong	0.114	0.080	-	
Farm	0.233	0.213	0.222	-

단이 집단-특이 유전적 특징이 있음이 확인되었다.

농가 집단은 한국재래염소 집단에 비해 집단-특이 대립유전자수가 거의 8배 이상 많이 발견되었으며, 전체 마커의 평균 PIC 값도 높게 나타났다. 또한 유전적 유연관계 역시 한국재래염소 집단과는 독립된 그룹을 형성하는 등 한국재래염소 집단과는 다른 유전적 특성을 갖는 것으로 확인되었다. 이런 결과는 한국재래염소에서 나타날 수 있는 또 다른 유전적 특징이라기 보다는 외래종의 혼입 가능성이 더 높을 것으

로 판단된다.

재래염소 집단의 균일도

한국재래염소 3개 집단이 실제적으로 몇 개의 군락으로 분류가 가능한지를 확인하기 위하여 STRUCTURE software를 이용하여 분석하였으며(Fig. 2), 한국재래염소 집단의 정확한 집단 균일도 분석을 위해서 외래종 혼입가능성이 있는 농가 염소집단은 분석에서 제외하였다. Bayesian 방법으로 K값을

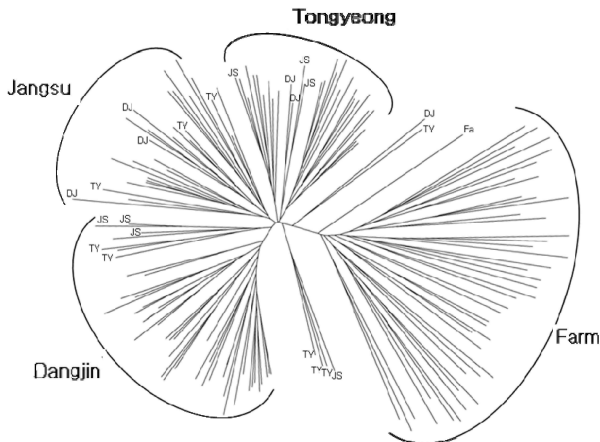


Fig. 1. Neighbor-joining tree showing genetic relationships among 153 individuals from 4 goat populations (DJ: Dangjin, JS: Jangsu, TY: Tongyeong and Fa: farm), using inter-individual genetic distances calculated from the proportion of shared alleles.

2에서 5까지 설정하여 분석한 결과, 실제 집단 수와 동일한 $K=3$ 에서는 일부 개체들이 혼재하였지만 3개 집단이 독립적으로 분리되었다. $K=4$ 에서는 통영집단이 비교적 높은 유전적 균일성을 보인 반면 당진, 장수집단은 유전적 균일성이 낮게 확인되었다. STRUCTURE software 분석 결과를 Evanno 등 [7]의 방법으로 산출한 ΔK 값이 $K=3$ 에서 가장 높은 수치 (4.0816)을 보였다(Table 4). Table 5는 공시된 재래염소 3개 집단을 3개 군락으로 분류할 경우의 유전적 균일도를 나타내고 있는데, 당진집단은 69.9%, 장수집단은 78.1% 그리고 통영집단은 84.1%로 균일도를 나타냈다.

이상의 결과를 종합하면, 집단 간에 일부 개체들의 유전적 혼입이 존재하지만, 당진, 장수, 통영 등 한국재래염소 3개 집단은 유전적으로 분류가 가능하였다. 이는 Table 1에 제시된

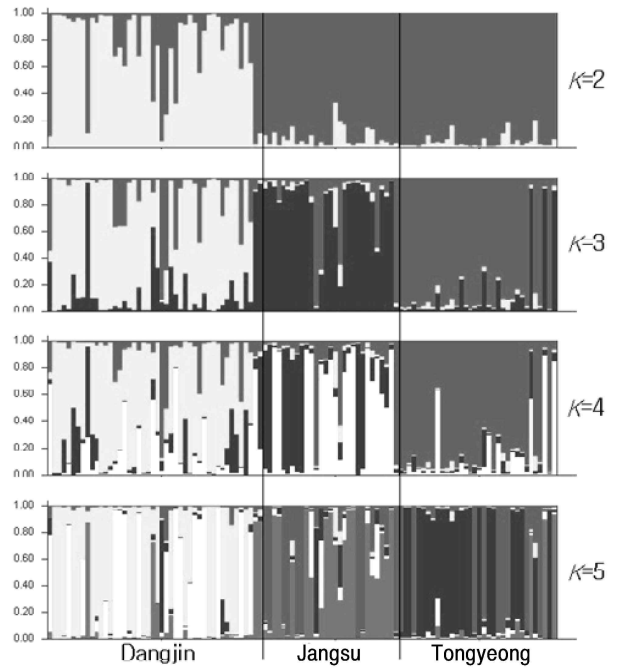


Fig. 2. The results of Bayesian model based clustering among 109 individuals from 3 Korean native populations (Dangjin, Jangsu and Tongyeong). The number of assumed genetic clusters (K) range from 2 to 5. Each individual is represented by a vertical bar. Black lines separate individuals of different populations.

102개 집단-특이 대립유전자의 빈도 차이에 의한 것으로, 특히 오직 한 집단에서만 나타나는 집단-특이 대립유전자의 존재가 당진집단에서는 8개 마커(BM1258, BM6444, DRBP1, ILSTS019, INRA006, INRA049, SRCRSP008, SRCRSP023), 장수집단은 2개 마커(INRA185, OarFCB193) 그리고 통영집단은 6개 마커(BM6444, DRBP1, INRA006, INRA023, OarFCB193,

Table 4. The estimated Delta K values by Evanno method (2005)

K	Repeats	Mean $\text{LnP}(K)$	SD $\text{LnP}(K)$	$\text{Ln}'(K)$	$ \text{Ln}''(K) $	Delta K
2	30	-6483.0300	1.8151	-	-	-
3	30	-6306.7933	13.0479	176.2367	53.2567	4.0816
4	30	-6183.8133	9.8637	122.9800	23.4167	2.3740
5	30	-6084.2500	22.6242	99.5633	-	-

Bold shows the largest value in the Delta K , Delta $K = \text{Mean}(|\text{Ln}''(K)|) / \text{SD}(L(K))$.

Table 5. Population of membership of each of the 3 goat population genotypes, with 30 microsatellites loci in the three inferred clusters using STRUCTURE analysis

Given pop.	Inferred Clusters			Pop. Size
	1	2	3	
Dangjin	0.142	0.699	0.159	46
Jangsu	0.176	0.043	0.781	29
Tongyeong	0.841	0.028	0.131	34

Pop: population, Maximum numerical value for each cluster is in bold.

SRCRSP001)가 나타났다.

본 연구는 MS 마커를 이용한 대립유전자형 분석결과를 토대로 한국재래염소 집단에 대한 유전적 다양성, 계통유전학적 분석 및 집단 균일도 분석을 실시하였다. 본 연구에서 이용된 30개 MS 마커에 대해 PIC를 토대로 분석효율성을 확인하였다. 또한 집단간의 유전적인 분류가 가능하였고, 집단-특이적인 계통유전학적 특성도 존재함을 확인하였다. 본 연구의 결과는 효율적인 관리방안 제시와 추후 한국재래염소의 고유성을 주장할 수 있는 과학적 근거자료로 활용될 수 있을 것이다. 그러나 기원과 유입경로 등에 대한 명확한 해석과 유전적 다양성의 상대적 비교를 위해서는 과거에 도입되었던 품종들과 중국, 인도 등 동남아시아 지역의 염소품종을 수집하고 이를 이용한 한국재래염소와의 통합적인 추가분석이 필요할 것으로 사료된다.

감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 연구개발사업 어젠다(2-5-12) 과제(과제번호: PJ008431012012) 지원으로 수행된 연구결과임.

References

1. Boom, R., Sol, C. J. A., Salimans, M. M. M., Jansen, C. L., Wertheim-van Dillen, C. L. and Van der Noordda, J. 1990. Rapide and Simple Method for Purification of Nucleic Acids. *J. Clin. Microbiol.* **28**, 495-503.
2. Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. and Davis, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* **32**, 314-331.
3. Bowcock, A. M., Ruiz-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J. R. and Cavalli-Sforza, L. L. 1994. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature* **368**, 455-457.
4. Broun-de-Sousa, C., Martinez, A. M., Ginja, C., Santos-Silva, S., Carolino, M. I., Delgado, J. V. and Gama, L. T. 2011. Genetic diversity and population structure in Portuguese goat breeds. *Livest. Sci.* **135**, 131-139.
5. Dixit, S. P., Verma, N. K., Aggarwal, R. A. K., Vyas, M. K., Jyoti, R., Anurodh, S., Pooja, T., Pooja, A. and Ulmekb, B. R. 2010. Genetic diversity and relationship among southern Indian goats breeds based on microsatellite markers. *Small Ruminant Res.* **91**, 153-159.
6. Earl, D. A. and Holdt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* **4**, 359-361.
7. Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* **14**, 2611-2620.
8. Falush, D., Stephens, M. and Pritchard, J. K. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* **164**, 1567-1587.
9. FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Measurement of domestic animals diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers. Original working group report. FAO, Roma, Italy.
10. FAO. 2011. Draft guidelines on molecular genetic characterization of animal genetics resources. FAO, Roma, Italy 51-53.
11. Felsenstein, J. 1993. PHYLIP (Phylogeny inference package) Version 3.5c. Distributed by the author, Department of Genetics, Univ. Washington, Seattle.
12. Ginja, C., Gama, L. T. and Penedo, M. C. 2010. Analysis of STR Markers Reveals High Genetic Structure in Portuguese Native Cattle. *J. Hered.* **101**, 201-210.
13. Glaubitz, J. C. 2004. CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Mol. Ecol. Notes* **4**, 309-310.
14. Hassen, H., Lababidi, S., Rischkowsky, B., Baum, M. and Tibbo, M. 2012. Molecular characterization of Ethiopian indigenous goat populations. *Trop. Anim. Health Prod.* **44**, 1239-1246.
15. Hoda, A., Haka, G., Dunner, S., Obexer-Ruff, G. and Consortium, E. 2011. Genetic diversity of albanian goat breeds based on microsatellite markers. *Arch. Zootec.* **60**, 607-615.
16. Kim, B. K., Lee, J. H., Jung, D. J., Cho, K. H., Hwang, E. G. and Kim, M. S. 2010. Effects of Feeding Herb Resources Powder on Meat Quality and Sensory Properties in Korean Native Black Goat. *Korean J. Food Sci. Ani. Res.* **30**, 811-818.
17. Kim, J. H., Cho, C. Y., Choi, S. B., Cho, Y. M., Yeon, S. H. and Yang, B. S. 2011. mtDNA diversity and phylogenetic analysis of Korean native goats. *J. Life Sci.* **21**, 1329-1335.
18. Nei, M., Taima, F. and Tatenno, Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* **19**, 153-170.
19. Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press. New York. USA.
20. Ota, T. 1993. DINPAN. Pennsylvania State University PA. USA.
21. Park, S. D. E. 2001. The Excel microsatellite toolkit (version 3.1). Animal Genomics Laboratory, University College Dublin, Ireland. <http://animalgenomics.ucd.ie/sdeparck/ms-toolkit/>.
22. Peakall, R. and Smouse, P. E. 2006. GenAEx 6: genetic analysis in excel population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes* **6**, 288-295.
23. Pritchard, J. K., Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
24. Ribeiro, M. N., Bruno-Sousa, C., Martinez-Martinez, A., Ginja, C., Menezes, M. P. C., Pimemta-Filho, E. C., Delgado, J. V. and Gama, L. T. 2011. Drift across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* **129**,

- 79-87.
24. Tadano, R., Sekino, M., Nishibori, M. and Tsudzuki, M. 2007. Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. *Poult Sci.* **86**, 460-469.
25. Takezaki, N. and Nei, M. 1996. Genetic distance of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* **144**, 389-399.
26. Young, H. T., Kim, M. W. and Choi, H. J. 2005. Studies on the characterization of black goat meat and bone beverage containing honey with red ginseng. *Korean J. Food Nutr.* **18**, 135-139.
27. Zeder, M. A. and Hesse, B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science* **287**, 2254-2257.

초록 : MS 표지를 이용한 한국재래염소 집단 유전적 다양성 및 유연관계 분석

서상원^{1,2} · 변미정¹ · 김영신¹ · 김명직¹ · 최성복¹ · 고응규¹ · 김동훈¹ · 임현태² · 김재환^{1*}

(¹농촌진흥청 국립축산과학원 가축유전자원시험장, ²경상대학교 농업생명과학대학 축산학과)

본 연구는 30개의 MS 마커를 이용하여 한국재래염소 3개 집단(당진, 장수, 통영)과 1개 농가집단을 대상으로 집단 내 및 집단간의 유전적 다양성, 계통유전학적 유연관계 분석 및 한국재래염소 3개 집단간의 유전적 균일성을 검증하여 우리 고유유전자원으로서의 가치를 구명하고자 실시하였다. 대립유전자형 분석 결과, 총 277개의 대립유전자형 중 집단-특이 대립유전자형은 102개(36.8%)였으며, 다형성지수인 이형접합도의 관측치(H_o)는 0.416~0.651, 다형정보량(PIC)은 0.462~0.679로 산출되었다. Nei의 D_A 유전거리를 토대로 개체별 NJ 계통수를 작성한 결과 집단별로 독립적인 그룹을 형성하였는데, 한국재래염소 3개 집단 간의 유전거리에 비해 한국재래염소 집단과 농가 집단 간의 유전거리는 2배 이상을 보였다. 한국재래염소 집단의 실제적인 분류 및 분류된 군락의 균일도를 STRUCTURE software를 이용하여 분석한 결과, 실제 공시한 집단 수와 동일한 3개의 군락으로 분류가 가능했고, 각 집단에 대한 균일도는 통영(84.1%), 장수(78.1%), 당진(69.9%)의 결과를 나타냈다. 본 연구를 통하여 한국재래염소 집단의 유전적 다양성, 유연관계 및 유전적 균일성을 확인하였다. 본 연구에서 확인된 한국재래염소의 유전적 특성은 우리 고유자원에 대한 과학적인 근거자료이며, 나아가 가축유전자원에 대한 국가수준의 보존, 평가 및 이용에 활용될 수 있을 것으로 사료된다.